

· 实验研究 ·

甘蓝型油菜芥酸含量的 SSR 标记分析 *

王国槐 陈光尧 张振乾 官春云 陈社员

(湖南农业大学油料所 湖南 长沙 410128)

摘要 目的 探讨高芥酸材料与低芥酸材料杂交效果,为促进高芥酸油菜育种的研究。方法 采用高芥酸材料与低芥酸材料杂交的 F₂ 群体作为材料,研究其遗传性状,并对亲本间的芥酸含量进行了 SSR 标记分析。结果 发现 F₂ 群体中的单株芥酸含量受两对基因控制,其遗传规律符合由一对基因控制的分离比例,得到 CB10364、Ra2-E12 两个共显性标记。结论 CB10364 标记与芥酸含量紧密连锁,单株带型为 CB10364-a 的芥酸含量 <6%,单株带型为 CB10364-h 的芥酸含量 6%~36%,带型为 CB10364-b 的芥酸含量 >36%,能较好的区分群体的芥酸含量,该结果可促进高芥酸油菜的育种研究。

关键词 甘蓝型油菜;芥酸;SSR 标记;CB10364-h

中图分类号 S635 S330 文献标识码 A 文章编号 1673-6273(2011)09-1683-05

Analysis of SSR Markers of Erucic Acid Content in Brassica Napus*

WANG Guo-huai, CHEN Guang-yao, ZHANG Zhen-qian, GUAN Chun-yun, CHEN She-yuan

(The Oil Crops Institute, Hunan Agricultural University, Changsha, Hunan 410128, China)

ABSTRACT Objective: This research was studied to promote the development high erucic acid rape breeding. **Method:** F₂ groups which were hybridized by High erucic acid material and low erucic acid hybrid material were studied here, and the parents' erucic acid content was analyzed by SSR markers. **Results:** The erucic acid content was controlled by two genes, and the inheritance rule accorded with the segregation ratio which is controlled by one pair gene. Meanwhile, two codominant markers of CB10364 and Ra2-E12 were obtained. **Conclusion:** CB10364 markers tightly linked with the erucic acid content. Individual plant strip type of CB10364-a has the erucic acid content <6%, while the type of CB10364-h has the erucic acid content from 6% to 36%, and that of CB10364-b has the erucic acid content > 36%. The results can be used on high erucic acid rapeseed breeding, and may be highly availability.

Key words: Brassica napus; Erucic acid; SSR marker; CB10364-h

Chinese Library Classification(CLC): S635, S330 Document code: A

Article ID:1673-6273(2011)09-1683-05

前言

芥酸是重要的工业原料^[1],主要从高芥酸菜籽油中提取。我国是芥酸主要生产国,年产量约占全世界的 1/3。然而,从 20 世纪 80 年代油菜生产开始双低化,使高芥酸菜籽油的供应变得越来越短缺,芥酸生产企业正面临着严重的原料危机^[2]。因此,有必要高度重视高芥酸油菜新品种的选育和生产^[3],加强相关研究。

SSR(Simple Sequence Repeats)标记近年来已发展成为一种技术成熟、程序标准的分子标记方法,广泛用于小麦^[4]、水稻^[5]、玉米^[6]、棉花^[7]、大豆^[8]、花生^[9]等作物的遗传作图、种质鉴定及分子标记辅助选择等领域研究。近年来,在油菜中虽然也有不少应用 SSR 标记的研究^[10,11],但高芥酸油菜方面的应用却较少。在本研究中,采用高芥酸材料与低芥酸材料杂交的后代作为材料,研究其遗传性状,为高芥酸油菜育种研究提供依据。

1 材料和方法

1.1 材料

1.1.1 实验材料 本研究所用的两个亲本材料为甘蓝型油菜品系 M13(芥酸含量 48.6%)和 742(芥酸含量 1.6%)。其中 M13 由四川绵阳农科所提供的材料,742 是由湖南农业大学油料作物研究所提供。

1.1.2 试剂 Taq 酶、MgCl₂、dNTP 和 10× Reaction buffer 等试剂均购自北京鼎国生物公司。

1.1.3 仪器 核酸蛋白质分析仪 Beckman Coulter DU-800,近红外测定仪 FOSS NIR system 5000,电泳仪 DYCZ30 型垂直电泳槽 北京六一仪器厂。

1.2 方法

1.2.1 材料获得 2004 年秋季将 M13 和 742 种植在湖南农业大学油菜试验基地,2005 年春季,将两个亲本进行杂交获得 F₁,并于 2005 年 9 月将 F₁ 种植于湖南农业大学试验农场,2006 年 5 月获得 F₁ 自交种子,2006 年 9 月将亲本、F₁、F₂ 种植于湖南农业大学油菜试验基地,2007 年春季把 F₂ 代分离群体单株

* 基金项目 国家重点基础研究发展计划(973 计划)项目(2006CB101600)资助

作者简介:王国槐(1950-)男,博士生导师,主要从事油菜遗传育种与栽培研究,

Email: wgh6682@126.com, Tel: 013873116682

(收稿日期 2010-11-25 接受日期 2010-12-20)

147 株进行编号,每株取 4~5 片幼嫩叶片储藏于 -80 ℃ 冰箱用于 DNA 的提取,同时选取 M13、742 幼嫩叶片保存 5 月份收获 M13、742、F1、F2 单株套袋的自交种子,并作为编号。

1.2.2 芥酸含量的测定 用近红外测定仪测定 M13、742、F1、F2 种子芥酸含量。

1.2.3 基因组 DNA 的提取 油菜基因组 DNA 提取参考周芳菊等^[12]的 CTAB 法。

1.2.4 DNA 质量的检测 以 ddH₂O 为对照溶液,采用核酸蛋白质分析仪分别测 260 nm 和 280 nm 处 OD 值,对 OD260/OD280 为 1.8 左右的 DNA 样品用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测其质量。

1.2.5 高芥酸和低芥酸集团 DNA 池的构建 根据 Michelmores 提出的 BSA 方法^[13] 根据 F2 群体单株的芥酸含量,取 10 个高芥酸单株的 DNA 等量混合构成高芥酸基因池,取 10 个低芥酸单株的 DNA 等量混合构成低芥酸基因池,终浓度为 50 ng/μL。

1.2.6 SSR 扩增、检测与带型的统计

(1) SSR 引物 根据 J. Piquemal 等^[14]构建的甘蓝型 SSR 标记连锁图谱,找出 4 个连锁群上的标记见表 1,根据各个连锁群上的标记名称在 <http://ukcrop.net/perl/ace/search/brassicaDB> 中找到引物序列后由上海英骏生物技术有限公司合成以上引物。

(2) PCR 扩增反应体系为:反应体系(总体积为 20 μL)

表 1 SSR 引物名称及所在连锁群
Table 1 SSR prime name and linkage group

连锁群 Linkage group	引物名称 Prime name	连锁群 Linkage group	引物名称 Prime name	连锁群 Linkage group	引物名称 Prime name	连锁群 Linkage group	引物名称 Prime name
N3	Na12-E03B	N8	S77096A	N11	CB10281	N13	CB10513
N3	Ol09-A03	N8	CB10578	N11	RCS001A	N13	CB10538
N3	CB10036B	N8	CB10364	N11	CB10258	N13	Ol10-D03C
N3	BRAS029	N8	RCS203	N11	Na12-C06B	N13	CB10036A
N3	RCS065A	N8	RCS113A	N11	CB10206B	N13	Ol10-B08A
N3	Na12-E02	N8	RCS211	N11	Na10-H06	N13	CB10569A
N3	Ol11-BO5	N8	Ra2-E12	N11	CB10536	N13	Ol11-B05B
N3	RCS217	N11	CB10587	N11	Ol10-A11	N13	Na12-E02B
N3	BRAS051A	N11	CB10208	N11	Na10-H03	N13	CB10427A
N3	CB10114	N11	CB10369	N11	CB10572B	N13	BRAS120
N3	CB10403	N11	CB10443	N11	Ni4-B10	N13	CB10427C
N3	Ra3-D04	N11	MR025	N11	BRAS067B	N13	Ol10-B04
N3	Na10-A09	N11	Ol12-F11A	N11	BRAS074B	N13	CB10132
N3	RCS202	N11	CB10277	N13	Na10-G10A	N13	CB10057
N13	BRAS038	N13	BRAS051B	N13	BRAS087	N13	BRAS005
N13	Na10-D03A	N13	BRAS069	N13	BRAS065	N13	CB10415B
N13	Na12-F12	N13	Ol13A-A10	N13	MR061B	N13	MR061A
N13	MR049B	N13	BRAS068	N13	Ol13-H09	N13	Na10-C01A
N13	MR049A	N13	Ol12-F08A	N13	RCS101A	N13	CB10003

(3) PCR 扩增程序

10× PCR Buffer(含 Mg ²⁺ 离子)	2.0 μL
dNTPs(2.5mmol/L)	0.4 μL
Forward Primer (10 ng/μL)	1.0 μL
Reverse Primer (10 ng/μL)	1.0 μL
Taq DNA Polymerase(5 U/μL)	0.25 μL
模板 DNA(50 ng/μL)	2.0 μL
ddH ₂ O	13.35 μL
Total Volume	20 μL

扩增反应在 Eppendorf mastercycler gradient PCR 扩增仪上 进行。

Step1	94 ℃	预变性 5 min
Step2	94 ℃	变性 50 s
Step3	57 ℃	退火 50 s
Step4	72 ℃	延伸 1 min
Step5	Goto Step2	32 个循环
Step6	72 ℃	延伸 10 min
Step7	4 ℃	保存

1.2.6 10%聚丙烯酰胺凝胶制备及电泳 电泳在 DYCZ30 型垂直电泳槽中进行 ,扩增产物通过 10%的聚丙烯酰胺凝胶进行分离 ,按操作程序进行。

1.2.7 银染检测 SSR 银染检测参照陆光远等^[15]的方法。

1.2.8 标记的筛选 用 76 对 SSR 引物首先对两亲本进行初步筛选 ,用两亲本间有差异的引物对两个不同集团进行 PCR 扩增 ,在两个集团间表现有差异的引物再对集团间的各个单株的 DNA 样品逐个进行 PCR 扩增和电泳检测。确定为该性状的连锁标记后 ,然后对 F2 群体的各个单株的 DNA 样品进行 PCR 扩增和电泳检测。

1.3 数据统计分析

根据 SSR 标记的分析结果 ,将各株系位点的带型和亲本相应位点的带型进行比较 ,与亲本 742 带型有相同位点的基因型记为 A ,与亲本 M13 带型有相同位点的基因型记为 B ,双亲杂合带型记为 H ,带型不清楚或数据缺失的位点的基因型记为 "—"。

2 结果

2.1 芥酸含量的遗传分析

两个亲本 M13 和 742 的芥酸含量分别为 48%和 1.6% ,F1 的平均芥酸含量为 24.9% ,F2 群体中 147 个单株芥酸含量的分布见图 1。F2 群体中的单株芥酸含量分布为多峰 ,呈偏态分布 ,没有出现芥酸含量超过 48%的植株。为了鉴别 F2 群体不同芥酸含量的单株数是否符合由两对基因控制的 1 4 6 4 1 分离比例 ,将不同芥酸含量单株按 <3%、3.1%~18%、18.1%~30%、30.1%~42%、>42%分成 5 个等级 ,不同等级单株数之比为 10 : 33 59 32 :13 ,进行卡方检验 , $\chi^2=3.36$,查 χ^2 表 ,自由度为 4 时 , $P=0.50\sim0.30>0.05$,表明理论数与实际数差异不显著 ,F2 芥酸分离比例符合 1 4 6 4 1 ,由此可见 M13 油菜芥酸含量也是两对基因控制。

从图 1 可以看出 ,F2 群体单株芥酸含量出现了间断性分布 ,大致可分为 3 个集团 :即芥酸含量 <6%、芥酸含量 6%~36%、芥酸含量 >36% ,3 个集团单株数之比为 33 80 34 ,其分离比例为 1 2 :1 ,卡平方测验符合 1 2 :1 ($\chi^2=1.16$, $P=0.50\sim0.30$)的分离比例 ,芥酸含量遗传规律符合由一对基因控制的分离比例 ,也有不少研究得到这样的结论^[1,16]。出现这样结果可能控制芥酸含量的两个座位中一个座位为复等位基因 ,即二者的基因型分别为 EEEE 和 E'E'EE ,这两者杂交 ,若 E' 与 E 的效应的差异能明显地表现 ,则其 F2 会出现 1 2 :1 的分离。

2.2 基因组 DNA 提取结果

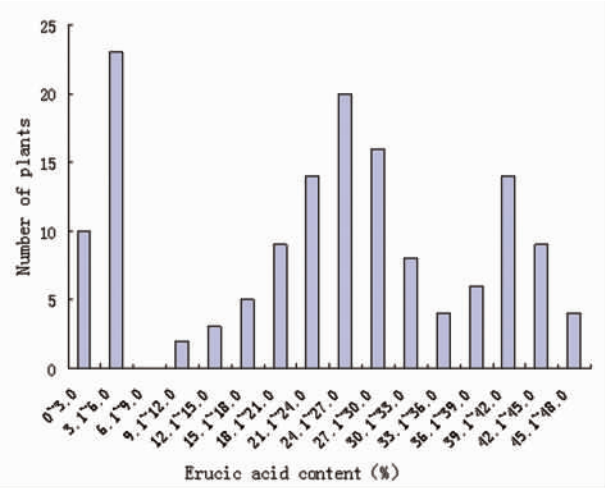


图 1 F2 群体中的芥酸含量分布
Fig. 1 Distributions of erucic acid content in the F2 populations

由图 2 所示 (10 个样品的电泳结果 ,其余相似 ,没有列出) ,本实验所提取油菜总 DNA 的质量较好 ,带形整齐 ,无因降解呈现的弥散现象 ,点样孔干净 ,无杂质残留 ,RNA 已被完全的降解 ,不会对后续实验中 PCR 扩增进行干扰。另外 ,我们还用紫外分光光度计对 DNA 质量也进行了检测 ,所提取的 DNA OD260/OD280 值大部分在 1.6~2.0 左右 ,表明纯度较好 ,OD260/OD230 在 1.8 左右 ,表明无多糖、酚类物质等杂质干扰。

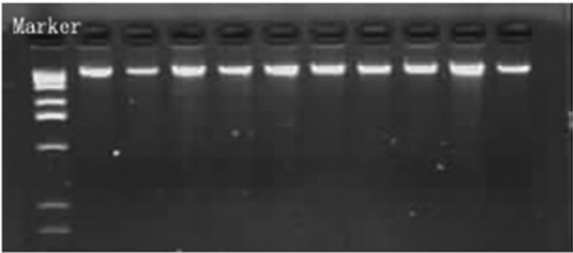


图 2 油菜基因组 DNA
Fig. 2 Electrophoresis map of rapeseed genomic DNA

2.3 芥酸含量的 SSR 标记分析

2.3.1 亲本间的多态性 在 76 对 SSR 引物中 ,两个亲本之间产生有多态性的引物有 14 对 ,扩增的多态性位点在 0~5 个之间。

2.3.2 芥酸含量的 SSR 标记 在亲本间有多态性的 SSR 引物对低芥酸含量集团和高芥酸含量集团 DNA 样品进行多态性筛

选。除了 2 个 SSR 引物 CB10364、Ra2-E12 能在两个集团间重复扩增出多态性外,其余引物的扩增带型完全相同。引物扩增出两个多态性片段,扩增片段均小于 300 bp。为了对这 2 个标记进一步验证,对两个集团单株的 DNA 样品逐个进行 PCR 扩增,结果再次表明,CB10364、Ra2-E12 引物在高芥酸集团单株和低芥酸集团单株的扩增产物均存在片段大小的差异。在 F₁ 中的扩增结果表明 CB10364、Ra2-E12 是共显性标记。CB10364 的正反引物 (F :GAGACGATGCAA AGATCG R :TGCAGACACATTCGAACA) ,Ra2-E12 的正反引物 (F :TGTCAGTG TGTCCACT TCGC R :AAGAGAAACC-CAATAAAGTAGAACC)。

2.3.3 群体单株中共显性的 SSR 标记分析 用 CB10364 标记引

物是一个共显性标记,在 F₁ 中扩增片段命名为 CB10364-h,在低芥酸 742 中扩增片段命名为 CB10364-a,在高芥酸 M13 中扩增片段命名为 CB10364-b。对 F₂ 群体的 147 个单株的 DNA 样品进行 PCR 扩增。CB10364 引物扩增产物中按照各自的特异带型进行统计其比例为 33(CB10364-a) :80(CB10364-h) :34 (CB10364-b),卡平方测验符合 1 :2 :1($\chi^2=1.161$, $P=0.50\sim0.30$) 的分离比例。群体检测的结果证明了 CB10364 标记是一个共显性标记,它与芥酸含量紧密连锁,单株的带型为 CB10364-a 的芥酸含量 <6%,单株的带型为 CB10364-h 的芥酸含量 6%~36%,带型为 CB10364-b 的芥酸含量 >36%,能较好的区分群体的芥酸含量,CB10364 在 F₂ 群体中的扩增情况见图 3。

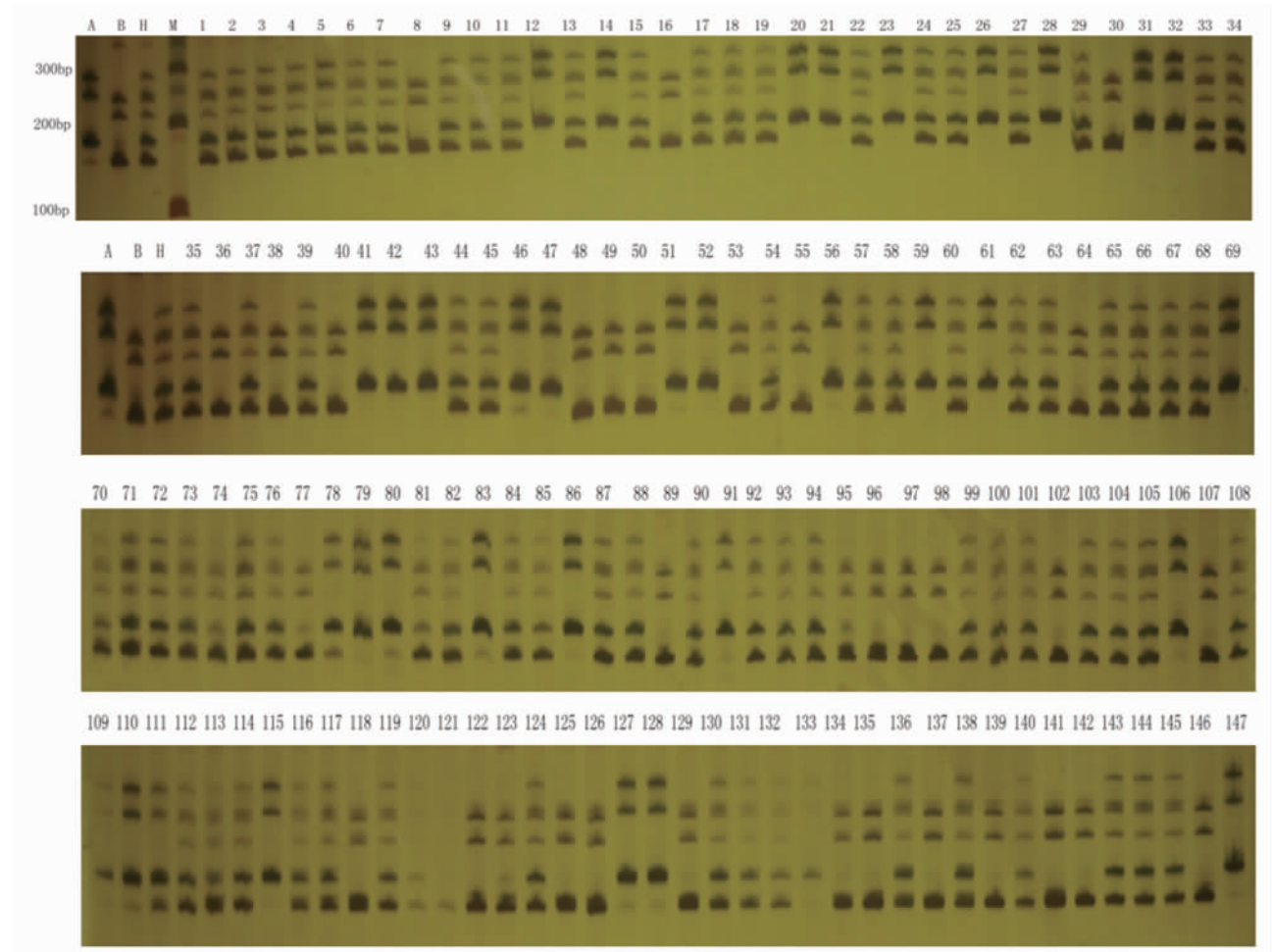


图 3 引物 CB10364 在双亲、F₁ 及 F₂ 群体中 SSR 扩增产生的带型 A、B 分别表示 742 和 M13 ,H 表示 A× B 的 F₁ ,M 表示 100bp Ladder marker 片段的大小。

Fig. 3 SSR profiles generated by primer CB10364 in two parental lines, F₁ and F₂ population. A, B and H represented the 742, M13 and F₁, respectively. M represented the standard DNA the fragments size of 100-bp ladder.

Ra2-E12 在 F₁ 中扩增片段命名为 Ra2-E12-h,在低芥酸 742 中扩增片段命名为 Ra2-E12-a,在高芥酸 M13 中扩增片段命名为 Ra2-E12-b。对 F₂ 群体的 147 个单株的 DNA 样品进行 PCR 扩增,引物扩增产物中按照各自的特异带型进行统计其比例为 32(Ra2-E12-a) :88(Ra2-E12-h) :24(Ra2-E12-b),有 3 个单株没有扩增出特异带,经卡方测验 $\chi^2=8.96$,查 χ^2 表,自由度为 2 时 $P<0.05$ 不符合 1 :2 :1 的分离比例。说明在此群体中发

生了交换。CB10364、Ra2-E12 均位于用 SSR 标记所构建的甘蓝型油菜连锁图谱的第 8 连锁群上,它们相距 40.5 cM^[17]。邱丹^[18]利用 277 个标记的遗传连锁图,定位了控制芥酸含量的 QTL,其中两个主效 QTL 位于 N8 和 N13,分别解释群体表型变异的 45%和 30%。M13 和 742 的 F₂ 群体单株芥酸含量的分布与 CB10364 引物在 F₂ 群体中扩增的带型相吻合,说明 CB10364 有可能区分芥酸含量 <6%、6%~36%、>36%的植株,

QTL 将在实际育种中得到应用。

3 讨论

3.1 甘蓝型油菜芥酸含量的遗传

前人推论甘蓝型油菜中控制芥酸含量是芥酸含量是由 2 对加 - 显 - 上位性主基因 + 加 - 显多基因控制的, 加性效应显著大于显性效应, 芥酸含量的主基因遗传率较高^[19-20], 此外, 还受到其它修饰基因和环境的影响^[21]。E1 和 E2 两个基因位点分别决定芥酸含量水平总变异的 56.4% 和 28.6%, 两个位点控制表达和解释的芥酸含量是不相等的^[1]。在本研究中, 以高芥酸 M13 与低芥酸 742 甘蓝型油菜品系为亲本建立的分离群体中 F₂ 分离群体中芥酸含量表现出两对基因控制, 其中一对起主导作用, 与前人研究一致。油菜高芥酸基因工程中, 要想得到较高的芥酸含量, 必须在促进芥酸合成的同时使芥酰基能够结合到甘油骨架的 sn-2 位上, 则可望在一定程度上克服这些局限性, 将油菜籽中的芥酸含量提高到一个更高水平^[22]。

3.2 QTL 定位与分子标记辅助育种

芸薹属的 QTL 作图始于 1990 年代初期, 开花时间、种子硫苷及芥酸含量、种子含油量及油酸含量等农艺性状^[23]。然而, 很少检测到的 QTL 被成功地运用到油菜育种当中。本研究中的 1 个共显性的 SSR 标记 CB10364 能区分 <6%、6%~36%、>36% 芥酸含量。这些标记在育种上有很高的利用的价值, 可作为高芥酸油菜育种的理想选择标记, 有助于促进高芥酸油菜育种研究。

参考文献(References)

- [1] Jourden C, Barret P, Horvais R, et al. Identification of RAPD markers linked to the loci controlling erucic acid level in rapeseed [J]. Mol Breed, 1996, 2: 61-71
- [2] 蒲定福, 袁代斌, 蒙大庆等. 工业专用高芥酸油菜新品种绵油 15 号选育[J]. 中国油料作物学报, 2005, 27(4): 38-40
Pu Ding-fu, Yuan Dai-bin, Meng Da-qing, et al. Breeding of a new high erucic acid hybrid rapeseed Mianyou 15 in Brassica napus L. for industrial use [J]. Chinese Journal of Oil Crop Scieives, 2005, 27(4): 38-40
- [3] 吴关庭, 郎春秀, 陈锦清. 工业用高芥酸油菜育种与应用[J]. 核农学报, 2007, 21(4): 374-377
Wu Guan-ting, Lang Chun-xiu, Chen Jin-qing. Breeding And Application Of High Erucic Acid Rapeseed In Industry [J]. Journal of Nuclear Agricultural Sciences, 2007, 21(4): 374-377
- [4] 闫林, 王辉, 孙道杰等. 小麦有效穗数的遗传分析及其 SSR 分子标记[J]. 中国农业大学学报, 2009, 4(5): 1-28
Yan Lin, Wang Hui, Sun Dao-jie, et al. Genetic analysis and SSR markers on the traits of effective spike number per plant of wheat[J]. Journal of China Agricultural University, 2009, 4(5): 1-28
- [5] 陈庆全, 张玉山. 籼型水稻 SSR 标记遗传连锁图谱的构建及偏分离分析[J]. 分子植物育种, 2009, 7(4): 685-689
Chen Qingquan, Zhang Yushan. Distorted Segregation and Construction of Molecular Linkage Map of SSR Markers in Indica Rice[J]. Molecular Plant Breeding, 2009, 7(4): 685-689
- [6] 邹超英, 杨克诚, 潘光堂等. 3 个不同玉米基础群体及其改良后代遗传变异的 SSR 分析[J]. 玉米科学, 2010, 18(2): 17-22

- Zou Chao-ying, Yang Ke-cheng, Pan Guang-tang, et al. Genetic Variation of Population Improvement by Mass Selection on Three Different Synthesized Maize Groups Based on SSR Data [J]. Journal of Maize Sciences, 2010, 18(2): 17-22
- [7] 张丽娜, 叶武威, 王俊娟等. 棉花耐盐性的 SSR 标记研究[J]. 棉花学报, 2010, 22(2): 175-180
Zhang Li-na, Ye Wu-wei, Wang Jun-juan, et al. Studies of Salinity-tolerance with SSR Markers on G.hirsutum L.[J]. Cotton Science, 22(2): 175-180
 - [8] 李曙光, 赵团结, 盖钧镒. 大豆质核互作雄性不育系 NJCMS3A 双亲雄性育性基因的 SSR 标记[J]. 作物学报, 2010, 36(7): 1061-1066
Li Shu-Guang, Zhao Tuan-Jie, Gai Jun-Yi. Mapping Male Fertility Gene with SSR Markers in Parents of Cytoplasmic-Nuclear Male-Sterile Line NJCMS3A in Soybean[J]. Acta Agronomica Sinica, 2010, 36(7): 1061-1066
 - [9] 陈静, 胡晓辉, 石运庆等. 花生品种间杂种 F1 代的 SSR 标记分析[J]. 核农学报, 2009, 23(4): 617-620
Chen Jing, Hu Xiao-Hui, Shi Yun-qing, et al. IDENTIFICATION OF PEANUT HYBRIDS(Arachis hypogaea L.) USING SSR MARKERS [J]. Journal of Nuclear Agricultural Sciences, 2009, 23(4): 617-620
 - [10] 刘平武, 周国岭, 杨光圣等. 双低甘蓝型油菜杂交种亲本指纹图谱构建和杂交种纯度鉴定[J]. 作物学报, 2005, 31(5): 640-646.
Liu Ping-Wu; Zhou Guo-Ling; Yang Guang-Sheng, et al. Fingerprints Construction of Hybrid Parents in B rassica napus and Its Utilization in Hybrid Purity Test [J]. Acta Agronomica Sinica, 2005, 31(5): 640-646
 - [11] Zhou W J, Zhang G Q, Tuveesson S, et al. Genetic survey of Chinese and Swedish oilseed rape (Brassica napusL.) by simple sequence repeats (SSRs) [J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2006, 53: 443-447
 - [12] 周芳菊. 芸薹属与萝卜属间杂种的获得及 SSR 分子鉴定[D]. 长沙: 湖南农业大学硕士学位论文, 2005, 32
Zhou fang-ju. The Hybrids of Intergeneric Hybridization between Brassica Species and Raphanus Sativus and Their Identification by SSR [D]. Changsha: Dissertation for Master, Hunan Agriculture University, 2005: 32
 - [13] Michelmores R W. Identification of markers linked to disease resistance genes by bulked segregant analysis: a rapid method to detect markers in specific genomic regions by using segregating population [J]. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 1991, 88: 9828-9832
 - [14] J. Piquemal, E. Cinquin, F. Couton, et al. Construction of an oilseed rape (Brassica napus L.) genetic map with SSR markers[J]. Theor Appl Genet, 2005, 111: 1514-1523
 - [15] 陆光远, 杨光圣, 傅廷栋. 应用于油菜研究的简便银染 AFLP 标记技术的构建[J]. 华中农业大学学报, 2001, 20(5): 413-415
Lu Guangyuan, Yang Guangsheng, Fu Tingdong. Silver-Stained Aflp-A Novel Assay for DNA Fingerprinting in Brassica napus [J]. Journal of Huazhong Agricultural, 2001, 20(5): 413-415
 - [16] D Qiu, C Morgan, J Shi, et al. A comparative linkage map of oilseed rape and its use for QTL analysis of seed oil and acid content [J]. Theor Appl Genet, 2006, 114: 67-80
 - [17] J. Piquemal, E. Cinquin, F. Couton, et al. Construction of an oilseed rape (Brassica napus L.) genetic map with SSR markers[J]. Theor Appl Genet, 2005, 111: 1514-1523

(下转第 1717 页)

- Tan Qiang, Zhang Xiao-yong, Zhang Ge, et al. The change of C-reactive protein in stable angina before and after interventional treatment [J]. Chinese Heart Journal, 2003,15(3):283-283(In Chinese)
- [6] 许官学, 石蓓, 赵然尊, 等. 急性冠脉综合征介入治疗前后 C-反应蛋白的变化及临床意义[J]. 医师进修杂志, 2005, 28(1): 40-44.
Xu Guan-xue, Shi Bei, Zhao Ran-zun, et al. The change and clinical significance of C-reactive protein in acute coronary syndrome before and after interventional treatment [J]. Chinese Journal of Postgraduates of Medicine, 2005, 28(1): 40-44(In Chinese)
- [7] Hulthe J, McPheat W, Samnegard A, et al. Plasma interleukin(IL)-18 concentrations is elevated in patients with previous myocardial infarction and related to severity of coronary atherosclerosis independently of C-reactive protein and IL-6 [J]. Atherosclerosis, 2006, 188 (2): 450-454
- [8] 谢江娇, 程翔, 廖玉华, 等. 兔动脉粥样硬化斑块内 IL-18 表达的动态变化[J]. 中国分子心脏病学杂志, 2005, 5(6): 773-776
Xie Jiang-jiao, Cheng Xiang, Liao Yu-hua, et al. The dynamic changes of IL-18 expression in the Rabbit atherosclerotic plaque[J]. Molecular Cardiology of China, 2005, 5(6): 773-776
- [9] Mallat Z, Corbaz A, Scoazec A, et al. Expression of interleukin-18 in human atherosclerotic plaques and relation to plaque instability [J]. Circulation, 2001, 104(14): 1598-1603
- [10] Sahar S, Dwarakanath R S, Reddy M A, et al. Angiotensin II enhances interleukin-18 mediated inflammatory gene expression in vascular smooth muscle cells a novel cross-talk in the pathogenesis of atherosclerosis[J]. CircRes, 2005, 96(4): 1064-1071
- [11] Hermann A, Rauch BH, Braun M, et al. Platelet CD40 ligand-subcellular localization, regulation of expression, and inhibition by clopidogrel[J]. Platelets, 2001, 12(2): 74-82
- [12] Laman JD, de Smet BJ, Schoneveld A, et al. CD40-CD40L interactions in atherosclerosis[J]. Immunol Today, 1997, 18(6): 272-277
- [13] 杨徐杭, 仪医宁, 魏敏慧, 等. 冠心病的危险因子 -C 反应蛋白释义[J]. 中医药学刊, 2003, 21(3): 2109-2110
Yang xuhang, Yi yi-ning, wei min-hui, et al. The interpretation of risk factors for coronary heart disease---C-reactive protein [J]. Chinese Archives of Traditional Chinese Medicine, 2003, 21(3): 2109-2110(In Chinese)
- [14] 刘海波, 高润霖, 陈纪林, 等. C-反应蛋白与冠心病患者冠状动脉斑块形态的关系[J]. 中华循环杂志, 2002, 2(2): 130-132
Liu Hai-bo, Gao Run-lin, Chen Ji-lin, et al. The relationship between C-reactive protein and the morphology of coronary artery plaque in the patients with coronary heart disease. [J]. Chinese Circulation Journal, 2002, 2(2): 130-132(In Chinese)
- [15] 王丽, 尹燕平, 刘云宝. C-反应蛋白与冠状动脉粥样硬化病变程度的相关分析[J]. 山西医科大学学报, 2005, 10(36): 598-599
Wang Li, Yin Yan-ping, Liu Yun-bao. The correlation analysis between C-reactive protein and the degree of coronary atherosclerosis, 2005, 10(36): 598-599(In Chinese)
- [16] Venugopa L, Kumar S, Devara J, et al. Effect of C-reactive protein on vascular cell: evidence for a pro-inflammatory, proatherogenic role [J]. Nephrol Hypertens, 2005, 14(1): 33-37
-
- (上接第 1687 页)
- [18] 邱丹. 甘蓝型油菜 DH 作图群体的构建和重要农艺性状及品质性状的 QTL 分析[D]. 武汉: 华中农业大学博士学位论文, 2007
Qiu dan. The Construction of a DH Mapping Population and QTL Analysis of Important Agronomic and Quality Traits in Brassica Napus [D]. Wuhan: Dissertation for Ph.D., Huazhong Agriculture University, 2007
- [19] 张书芬, 傅廷栋, 朱家成等. 甘蓝型油菜芥酸含量的基因分析[J]. 中国农业科学, 2008, 41(10): 3343-3349
Zhang Shu-Fen, Fu Ting-Dong, Zhu Jia-cheng, et al. Genetic Analysis of Erucic acid in Brassica napus L. Using Mixed Major Gene and Polygene Inheritance Model [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2008, 41(10): 3343-3349
- [20] 张洁夫, 戚存扣, 浦惠明等. 甘蓝型油菜芥酸含量的遗传与 QTL 定位[J]. 江苏农业学报, 2008, 24(1): 22-28
Zhang Jie-Fu, Qi Cun-Kou, Pu Hui-ming, et al. Inheritance and QTL Identification of Erucic Acid Content in Rapeseed(Brassica napus L.) [J]. Jiangsu Journal of Agricultural Sciences, 2008, 24(1): 22-28
- [21] Wilmer J A, G Helsper, L H W Vanderplas. Effects of abscisic acid and temperature on erucic acid accumulation in oilseed rape (B. napus L.) [J]. J Plant Physiol, 1997, 5: 414-419
- [22] 周万平, 郎春秀, 熊鲜艳等. 油菜籽芥酸含量遗传调控研究进展[J]. 核农学报, 2010, 24(3): 537-541
Zhou Wan-Ping, Lang Chun-Xiu, Xiong Xian-yan, et al. Advances In Genetic Regulation Of Erucic Acid Content In Rapeseed [J]. Journal of Nuclear Agricultural Sciences, 2010, 24(3): 537-541
- [23] Snowden R J, Friedt W. Molecular markers in Brassica oilseed breeding: current status and future possibilities [J]. Plant Breed, 2004, 123: 1-8